

Attorney's Docket No.: 06501-056001 / C2-905DP1PCT-US

03CO

IN THE UNITED STATES PATENT AND TRADEMARK OFFICE

Applicant : Shin-ichi Funahashi et al. Art Unit : Unknown
Serial No. : 09/502,698 Examiner : Unknown
Filed : February 11, 2000
Title : PROTEIN HAVING PDZ DOMAIN SEQUENCE

Commissioner of Patents
Washington, D.C. 20231

TRANSMITTAL OF PRIORITY DOCUMENT UNDER 35 USC §119

Applicants hereby confirm their claim of priority under 35 USC §119 from PCT Application No. PCT/JP98/03603 filed August 12, 1998 which claims priority from Japanese Patent Application Nos. 9/230356, filed August 12, 1997, and 10/189944, filed June 18, 1998. Certified copies of the Japanese applications from which priority is claimed is submitted herewith.

Please apply any charges or credits to Deposit Account No. 06-1050.

Respectfully submitted,

Date: 4-27-00

John T. Li
John T. Li
Reg. No. 44,210

Fish & Richardson P.C.
225 Franklin Street
Boston, MA 02110-2804
Telephone: (617) 542-5070
Facsimile: (617) 542-8906

20078766.doc

CERTIFICATE OF MAILING BY FIRST CLASS MAIL

I hereby certify under 37 CFR §1.8(a) that this correspondence is being deposited with the United States Postal Service as first class mail with sufficient postage on the date indicated below and is addressed to the Commissioner of Patents, Washington, D.C. 20231.

April 27, 2000

Date of Deposit

Jeanine Mecherkany
Signature

Jeanine Mecherkany

Typed or Printed Name of Person Signing Certificate



日 本 国 特 許 庁

PATENT OFFICE
JAPANESE GOVERNMENT

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出 願 年 月 日

Date of Application:

1 9 9 7 年 8 月 1 2 日

出 願 番 号

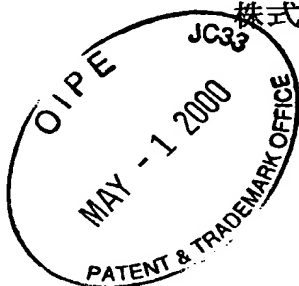
Application Number:

平成 9 年特許願第 2 3 0 3 5 6 号

出 願 人

Applicant (s):

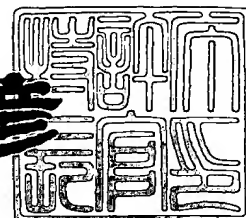
株式会社中外分子医学研究所



2 0 0 0 年 3 月 1 0 日

特 許 庁 長 官
Commissioner,
Patent Office

近 藤 隆 彦



出証番号 出証特 2 0 0 0 - 3 0 1 2 5 8 8

【書類名】 特許願

【整理番号】 C2-905

【提出日】 平成 9年 8月12日

【あて先】 特許庁長官殿

【国際特許分類】 C12N 15/12

【発明の名称】 P D Z ドメイン配列を有するタンパク質

【請求項の数】 15

【発明者】

【住所又は居所】 茨城県新治郡新治村永井 1 5 3 番地 2 株式会社中外分子医学研究所内

【氏名】 舟橋 真一

【発明者】

【住所又は居所】 茨城県新治郡新治村永井 1 5 3 番地 2 株式会社中外分子医学研究所内

【氏名】 宮田 昌二

【特許出願人】

【識別番号】 596102791

【氏名又は名称】 株式会社中外分子医学研究所

【代表者】 川口 勉

【代理人】

【識別番号】 100102978

【弁理士】

【氏名又は名称】 清水 初志

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 041092

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【包括委任状番号】 9710621

【書類名】 明細書

【発明の名称】 PDZドメイン配列を有するタンパク質

【特許請求の範囲】

【請求項1】 配列番号：1に記載のアミノ酸配列、または該アミノ酸配列において1もしくは数個のアミノ酸が置換、欠失、もしくは付加したアミノ酸配列からなりPDZドメイン配列を有するタンパク質。

【請求項2】 ①請求項1に記載のタンパク質と、②少なくとも1つの抗体認識部位を含むタンパク質もしくはペプチド、からなる融合タンパク質。

【請求項3】 請求項1または2に記載のタンパク質をコードするDNA。

【請求項4】 配列番号：2に記載の塩基配列からなるDNAもしくはその一部に対するアンチセンスDNA。

【請求項5】 請求項3に記載のDNAを含むベクター。

【請求項6】 請求項3に記載のDNAを発現可能に保持する形質転換体。

【請求項7】 請求項6に記載の形質転換体を培養する工程を含む、請求項1または2に記載のタンパク質の生産方法。

【請求項8】 請求項1または2に記載のタンパク質に被検タンパク質を接触させ、請求項1または2に記載のタンパク質に結合するタンパク質を選択する工程を含む、請求項1または2に記載のタンパク質に結合するタンパク質のスクリーニング方法。

【請求項9】 請求項1または2に記載のタンパク質に被検遺伝子の遺伝子産物を接触させ、請求項1または2に記載のタンパク質に結合する遺伝子産物に対応する遺伝子を選択する工程を含む、請求項1または2に記載のタンパク質に結合するタンパク質をコードする遺伝子のスクリーニング方法。

【請求項10】 請求項1または2に記載のタンパク質に結合するタンパク質。

【請求項11】 請求項8に記載の方法により単離しうる、請求項10に記載のタンパク質。

【請求項12】 請求項1または2に記載のタンパク質に結合するタンパク質をコードする遺伝子。

【請求項13】 請求項9に記載の方法により単離しうる、請求項12に記載の遺伝子。

【請求項14】 請求項1に記載のタンパク質に結合する抗体。

【請求項15】 配列番号：1に記載のアミノ酸配列からなるタンパク質に結合する抗体。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、PDZドメイン配列を有する新規なタンパク質およびその遺伝子に関する。

【0002】

【従来の技術】

PDZドメインを有するタンパク質としては、これまでPSD-95、hDlg、ZO-1、p55、Dsh、LIN-7、InaD、PTPL1/FAP1などが知られており、これらはPDZファミリーなどと呼ばれている。最初、95KDa後シナプス膜タンパク質 (post-synaptic density protein) PSD-95において、保存された「Gly-Leu-Gly-Phe(GLGF)」の4アミノ酸のモチーフを含む約80乃至90アミノ酸からなる3回の繰り返し構造が存在することが同定された (Neuron 9, 929-942 (1992))。その後、このドメイン構造がショウジョウバエの致死(1)ディスクス ラージ-1 癌抑制タンパク質DlgA (Drosophila lethal(1) discs large-1 tumor suppressor protein DlgA) (Cell 66, 451-464 (1991))、密着結合タンパク質ZO-1 (tight junction protein ZO-1) (J. Cell Biol. 121, 491-502 (1993))のタンパク質にも見付き、この繰り返し配列は、PSD95、DlgA、ZO-1の頭文字をとって「PDZドメイン」と名付けられた (GLGFリピートやDHR (DlgA homology region) ドメインとも呼ばれる)。PDZドメインを有するタンパク質は、このPDZドメインの配列を介して他のタンパク質と結合することが知られており、例えば、PSD-95タンパク質はNMDA受容体2B (Kornau, H.-C., et al. (1995) Science 269, 1737-1740)、シェーカー型カリウムイオンチャンネル (Shaker-type K^+ channel) (Kim, E. et al. (1995) Nature 378, 85-88)と結合することが知られている。hDlgタンパク質は家族性大腸腺腫症遺

伝子/APC (adenomatous polyposis coli tumor suppressor gene/APC) のコードするタンパク質と(Matsumine et al. (1996) Science 272, 1020-1023)、Dshタンパク質はNotchタンパク質と(Axelrod, J.D., et al. (1996) Science 271, 1826-1832)、直接結合することが報告されている。また、InaDタンパク質はショウジョウバエの視覚シグナル伝達カスケード (Drosophila visual signal transduction cascade) で機能している Ca^{2+} チャンネルタンパク質であるTRPと結合することが報告されている(Shieh, B-H. and Zhu, M. Y. (1996) Neuron 16, 991-998)。PDZドメインを有するタンパク質の構造としては、このドメインを1つ有するタンパク質(p55、Dsh)、2つ有するもの(SIP-1: J. Yanagisawa et al. J. Biol. Chem. 272, 7167-7172 (1997))、3つ有するもの(PSD-95、hDlg)、5つ有するもの(InaD、PTPL1/FAP1)、7つ有するもの(GRIP: H. Dong et al. (1997) Nature 386, 279-284) などがあり、多様である。また、最近マウスにおいてタンパク質中のN末端側のペプチドをコードする領域が欠落した遺伝子で、この不完全な遺伝子領域において4つPDZドメインを有するペプチドをコードする遺伝子が報告された (GeneBank 1997年5月18日登録, Accession number AF000168)。PDZドメインを有するタンパク質群は、共通して、C末に存在する「Thr/Ser-Xaa-Val」(Xaaは任意のアミノ酸残基) に代表される3から4アミノ酸からなる疎水性アミノ酸の領域を持った他のタンパク質と結合していることが知られている。それらのタンパク質の多くは膜貫通型のタンパク質であり、細胞内でのシグナル伝達の機能をはたしていることが予想される(TIBS 21, 455-458 (1996)、J. Yanagisawa et al. (1997) J. Biol. Chem. 272, 7167-7172)。このためPDZドメインを有するタンパク質やこれと相互作用するタンパク質は、神経伝達系、アポトーシス、癌化などに関与しており、医薬品開発の標的として近年注目を集めている。

【0003】

【発明が解決しようとする課題】

本発明は、PDZドメイン配列を有する新規なタンパク質、および該タンパク質をコードするDNAを提供することを課題とする。

【0004】

【課題を解決するための手段】

本発明者らは、ヒト臍帯血管内皮細胞のTNF α による遺伝子発現の変化を解析していく過程において、TNF α の刺激により発現が上昇した遺伝子を単離し、該遺伝子をプローブとしてスクリーニングを行ったところ、新規なタンパク質をコードする遺伝子を単離するに至った。本発明者等は単離した遺伝子がコードするタンパク質につき解析を行ったところ、該タンパク質が、その分子内にタンパク質-タンパク質相互作用に重要な役割を果たしているPDZドメイン配列を有していることを見出した。

【0005】

即ち、本発明は、分子内にPDZドメイン配列を有する新規なタンパク質およびその遺伝子に関し、より具体的には、

(1) 配列番号：1に記載のアミノ酸配列、または該アミノ酸配列において1もしくは数個のアミノ酸が置換、欠失、もしくは付加したアミノ酸配列からなりPDZドメイン配列を有するタンパク質、

(2) ①(1)に記載のタンパク質と、②少なくとも1つの抗体認識部位を含むタンパク質もしくはペプチド、からなる融合タンパク質、

(3) (1)または(2)に記載のタンパク質をコードするDNA、

(4) 配列番号：2に記載の塩基配列からなるDNAもしくはその一部に対するアンチセンスDNA、

(5) (3)に記載のDNAを含むベクター、

(6) (3)に記載のDNAを発現可能に保持する形質転換体、

(7) (6)に記載の形質転換体を培養する工程を含む、(1)または(2)に記載のタンパク質の生産方法、

(8) (1)または(2)に記載のタンパク質に被検タンパク質を接触させ、(1)または(2)に記載のタンパク質に結合するタンパク質を選択する工程を含む、(1)または(2)に記載のタンパク質に結合するタンパク質のスクリーニング方法、

(9) (1)または(2)に記載のタンパク質に被検遺伝子の遺伝子産物を接触させ、(1)または(2)に記載のタンパク質に結合する遺伝子産物に対応する遺伝子を選択する工程を含む、(1)または(2)に記載のタンパク質に結合

するタンパク質をコードする遺伝子のスクリーニング方法、

(10) (1) または (2) に記載のタンパク質に結合するタンパク質、

(11) (8) に記載の方法により単離しうる、(10) に記載のタンパク質

(12) (1) または (2) に記載のタンパク質に結合するタンパク質をコードする遺伝子、

(13) (9) に記載の方法により単離しうる、(12) に記載の遺伝子、

(14) (1) に記載のタンパク質に結合する抗体、

(15) 配列番号：1 に記載のアミノ酸配列からなるタンパク質に結合する抗体、

に関する。

【0006】

なお、本発明において「PDZドメイン配列」とは、「Gly-Leu-Gly-Phe」またはその類似アミノ酸からなる4アミノ酸のモチーフを含む約80乃至90アミノ酸からなる配列を指す (TIBS 20,p102-103(1995)参照)。

【0007】

【発明の実施の形態】

本発明は、PDZドメイン配列を有する新規なタンパク質に関する。本発明のタンパク質に含まれる配列番号：1 に記載のタンパク質は、アミノ酸配列中の43～122位 (配列番号：4)、176～253位 (配列番号：5)、322～401位 (配列番号：6)、418～496位 (配列番号：7)、555～637位 (配列番号：8)、680～761位 (配列番号：9) にPDZドメイン配列を有し、他のPDZドメイン保持タンパク質と同様、このPDZドメインを介して他のタンパク質と相互作用すると考えられる。配列番号：1 に記載のタンパク質はヒト由来のタンパク質であるため、ヒトにおける治療において特に有用である。即ち、他の生物 (例えば、マウス) 由来のタンパク質では、ヒトの治療に応用する際に免疫原性の点で抗体が派生して治療効果が低減したり、無効になったり、血清病やアナフィラキシーショックを生じるなどの重大な副作用が生じるおそれがあるため、ヒトの治療の材料としては、特に、ヒト由来のタンパク質であることが望ましい。

【0008】

本発明のタンパク質は、天然のタンパク質の他、遺伝子組み換え技術を利用した組換えタンパク質として調製することが可能である。天然のタンパク質は、当業者に周知の方法、例えば、後述する本発明のタンパク質に対する抗体を適当な担体に結合させたアフィニティーカラムにより、ヒトのさい帯血内皮細胞（HUVEC）などから単離することが可能である。アフィニティーカラムの作製については、例えば、Wilchekらの方法（Wilchek et al. Methods Enzymol. 104, p. 3-55 (1984)）に従って行うことが可能である。一方、組換えタンパク質であれば、後述の本発明のタンパク質をコードするDNAで形質転換した細胞を培養することにより調製することが可能である。

【0009】

また、当業者であれば、公知の方法を用いて配列番号：1に記載のタンパク質中のアミノ酸の置換などを適宜行い、配列番号：1に記載のタンパク質と実質的に同一のタンパク質を調製することが可能である。また、タンパク質のアミノ酸の変異は天然においても生じうる。このようにアミノ酸の置換、欠失、付加などにより配列番号：1に記載のタンパク質に対してアミノ酸配列が改変された改変体であって、PDZドメイン配列を有するタンパク質もまた本発明のタンパク質に含まれる。当業者に公知のアミノ酸を改変する方法としては、例えば、Kunkelらの方法（Methods Enzymol, 85, p. 2763-2766 (1988)）やPCR（polymerase chain reaction反応）を利用した方法などがある。Kunkel法では、鋳型となる1本鎖DNAを調製する際に、宿主としてdut⁻、ung⁻の大腸菌を利用することでウラシルを取り込ませる。このウラシルを含む鋳型に導入したい変異を含むプライマーをアニーリングさせ、通常のDNA合成をin vitroで行う。これにより調製したウラシルを含むDNA鎖との二本鎖DNAを、通常の大腸菌に取り込ませると、ウラシルを含んだDNA鎖は壊され、変異の入ったDNA鎖が鋳型となってDNA合成が行われる。この結果、非常に効率的に変異の導入されたDNAを得ることができる。一方、PCRを利用した変異の導入は、例えば、適当な制限酵素の認識部位を中に含む領域を標的にして変異を導入したい部分の配列を含むプライマーと制限酵素の認識部位またはその外側の配列を含むプライマーを2種類作製してPCRを行い、そのPCR産物を混

合した後に2つの制限酵素の認識部位またはその外側の配列を含むプライマーでDNAを増幅し、その中に変異を導入した領域が含まれるように適当な制限酵素で消化し、もとのDNAの当該領域と入れ替えることで変異が導入できる (Saiki et al .1988 Science 239,p487-491;Current Protocol in Molecular Biology,Green Publishing Associates and Wiley-interscience出版,Unit8.5.1-8.5.10(1997)、実験医学別冊 新遺伝子工学ハンドブック,羊土社,p251-261)。なお、アミノ酸の置換は、通常、10アミノ酸以内であり、好ましくは6アミノ酸以内であり、さらに好ましくは3アミノ酸以内である。また、置換、欠失、付加がなされる部位は本発明のタンパク質の活性が保持される限り特に制限はない。好ましくはPDZドメイン配列以外の領域であるが、本発明のタンパク質の活性が保持される限りPDZドメイン配列であってもよい。改変されたタンパク質は、少なくとも1つのPDZドメイン配列を有し、好ましくは2つのPDZドメイン配列を有し、さらに好ましくは4つのPDZドメイン配列を有し、さらに好ましくは6つのPDZドメイン配列を有する。

【0010】

また、本発明は、上記本発明のタンパク質をコードするDNAに関する。本発明のタンパク質をコードするDNAは、cDNAでも、ゲノムDNAでもよく、また合成DNAであってもよい。本発明のDNAは、例えば、本発明のタンパク質を組換えタンパク質として生産するために利用しうる。即ち、本発明のタンパク質をコードするDNA（例えば、配列番号：2に記載のDNA）を適当な発現ベクターに挿入し、該ベクターを適当な細胞に導入して得た形質転換体を培養し、発現させタンパク質を精製することにより本発明のタンパク質を組換えタンパク質として調製することが可能である。

【0011】

組換えタンパク質の生産に用いる細胞としては、例えば、動物細胞としてはCHO細胞(Chinese hamster ovary cell)、COS細胞(サルCV-1繊維芽細胞を複製起点を欠いたSV40ウイルスでトランスフォームした細胞株)、マウスNIH3T3細胞、ヒトHela細胞、ヒトリンパ球系のナマルバ細胞などが挙げられるが、これらに限らない (Current Protocol in Molecular Biology,Green Publishing Associates

and Wiley-Interscience, Unit 16.12-16.14 (1991))。ベクターとしては、pSV2neoやpCDNA1, pCD8, pRCRSV, pREP4, pCEP4 (Invitrogen社製)、pMAM, pMAMneo (CLONTECH社製)、pCI-neo mammalian expression vector, pSI-neo mammalian expression vector, pTARGETTM mammalian expression vector (Promega社製)などが好適に用いられる。プラスミドベクターに限らず、組み換えウイルスを作製して組み換えタンパク質の生産に用いることもできる。pAdexベクターを用いた組み換えアデノウイルス (実験医学別冊 新遺伝子工学ハンドブック、羊土社、p238-244)、LNやLXSNベクターシリーズ、その改変型pBabeベクターシリーズ、MFGベクターなどを用いた組み換えレトロウイルス (実験医学別冊 新遺伝子工学ハンドブック、羊土社、p245-250、Current Protocol in Molecular Biology, Greene Publishing Associates and Wiley-interscience出版, Unit 9.10.1-9.14.3 (1992))、シンドビスウイルス、ワクシニアウイルス (Current Protocol in Molecular Biology, Greene Publishing Associates and Wiley-interscience出版, Unit 16.15.1-16.19.9 (1992))などによっても組み換えタンパク質の生産を行うことができる。バキュロウイルスを利用した組み換えタンパク質の生産も可能であり、カイコの幼虫、またSF21, SF9, High FiveTM細胞などの培養細胞株を宿主として利用することもできる (実験医学別冊 バイオマニュアルシリーズ7 分子生物研究のためのタンパク実験法, 羊土社, p167-171 (1994)、O'Reilly, D.R. et al.: Baculovirus expression vectors, A laboratory Manual, Oxford University Press (1992))。バキュロウイルス発現ベクターとしてはpBacPAK8, 9, pBacPAK-His1/2/3やpAcUW31 (CLONTECH社製)、pBlueBac (Invitrogen社製)、pBAC, pBACgus (Novagen社製)などが挙げられる。

【0012】

タンパク質を効率よく発現させるために、動物細胞において用いられるプロモーターとしては、例えば、SV40初期プロモーター (Rigby In Williamson (ed.), Genetic Engineering, Vol. 3. Academic Press, London, p. 83-141 (1982))、EF-1 α プロモーター (Kimら Gene 91, p. 217-223 (1990))、CAGプロモーター (Niwa et al. Gene 108, p. 193-200 (1991))、RSV LTRプロモーター (Cullen Methods in Enzymology 152, p. 684-704 (1987))、SR α プロモーター (Takebe et al. Mol. C

ell. Biol. 8, p.466 (1988)), CMV初期プロモーター(Seed and Aruffo Proc. Natl. Acad. Sci. USA 84, p.3365-3369 (1987)), SV40後期プロモーター(Gheysen and Fiers J. Mol. Appl. Genet. 1, p.385-394 (1982)), アデノウイルス後期プロモーター(Kaufman et al. Mol. Cell. Biol. 9, p. 946 (1989)), HSV TKプロモーターや誘導的発現プロモーターが挙げられる。誘導的発現プロモーターとしては、例えば、グルココルチコイドで誘導されるMMTVプロモーターやホルボールエステルや重金属で誘導されるMT (メタロチオネイン) IIプロモーター、テトラサイクリンでオン/オフが可能なTet-On/off system (CLONTECH社製)、エクジソンで誘導できる発現システム (Invitrogen社製) やIPTGで誘導発現を行うLac Switch System (Stratagene社製) などが好適である。

【0013】

また、酵母細胞でもタンパク質の生産が可能である。プロテアーゼ欠損株であるBJ2168, BJ926, CB023や分泌ベクター用の酵母株20B-12などが宿主として利用できる(実験医学別冊 バイオマニュアルシリーズ4 遺伝子導入と発現解析法, 羊土社, p166-176(1994))。発現ベクターとしては、例えば、pYEura3 (CLONTECH社製)、pYEXTM-BX, pYEXTM-S1が挙げられる。分裂酵母の発現ベクターpESP-1 (Stratagene社製) を用いて分裂酵母SP-Q01株で発現することも可能である。酵母細胞においてタンパク質を効率的に発現させるためのプロモーターとしては、構成的に発現させるPGKプロモーター、ADH1プロモーター、銅イオンで誘導できるCUP1プロモーター、ガラクトースにより誘導されグルコースにより抑制されるGal1-Gal10プロモーター、リン酸濃度の低下により誘導され高リン酸濃度により抑制されるPH05プロモーターなどが好適に用いられる。分裂酵母ではnmt1プロモーターなどが好適に用いられる。

【0014】

大腸菌による組み換えタンパク質の生産には、大きく4種類の発現プロモーターが使用できる。 λ PLプロモーターはclts857リプレッサーにより発現が調節され、熱ショックにより発現が誘導される。宿主としてはN4830-1, M5219が挙げられ、pPL-lambda, pKC30, pRIT2Tなどのベクターにより発現できる。tacプロモーターはlacI^qリプレッサーにより発現が調節され、イソプロピル β -D-チオガラクト

シド(IPTG)の添加により発現が誘導される。宿主としてはJM105, XL1-Blueが挙げられ、pDR540, pKK233-3, pGEX-3X, pMAL-c2などのベクターにより発現することができる。trpプロモーターはtrpリプレッサーにより発現が制御され、 β インドールアクリル酸(IAA)の添加により発現が誘導される。宿主としてはHB101などを使用できる。pBTrp2などのベクターにより発現することができる。T7ファージプロモーターはT7RNAポリメラーゼによってのみ認識され発現できるため、例えば、 λ ファージDE3のint遺伝子内にlacI遺伝子、lacUV5プロモーターの支配下のT7 RNAポリメラーゼ遺伝子を含むDNA断片が挿入されていて、これを大腸菌BL21株に溶原化させたBL21(DE3)株が宿主として使用でき、IPTGの添加によりT7RNAポリメラーゼが誘導されて、T7プロモーターからの誘導発現が可能になる。ベクターとしてはpET-3c, pET-8cなどが使用できる。基底レベルのT7RNAポリメラーゼを抑制するために、T7RNAポリメラーゼに結合して転写を阻害する天然の阻害剤であるT7リゾチームを供給するプラスミドを共存させたBL21(DE3)pLysSも宿主として使用できる。T7プロモーターの転写開始点の下流にlacオペレーター配列を挿入したT7lacプロモーターを持つpET-11c, pET-11dなども発現ベクターとして挙げられる(F.Studier et al.: J.Mol.Biol.189,p113-130(1996)、F.Studier et al.: Methods Enzymol.185,p60-8(1990))。

【0015】

宿主細胞へのベクターの導入は、例えば、エレクトロポレーション法(Chu, G. et al. Nucl. Acid Res. 15, 1311-1326 (1987))、リン酸カルシウム法(Chen, C and Okayama, H. Mol. Cell. Biol. 7, 2745-2752 (1987))、DEAEデキストラン法(Lopata, M. A. et al. Nucl. Acids Res. 12, 5707-5717 (1984); Sussman, D. J. and Milman, G. Mol. Cell. Biol. 4, 1642-1643 (1985))、リボフェクチン法(Derijard, B. Cell 7, 1025-1037 (1994); Lamb, B. T. et al. Nature Genetics 5, 22-30 (1993); Rabindran, S. K. et al. Science 259, 230-234 (1993))等の方法により行うことができるがいずれの方法によってもよい。

【0016】

得られた形質転換体からの組換えタンパク質の精製は、ゲル濾過法、イオン交換クロマトグラフィー、アフィニティークロマトグラフィー、逆相クロマトグラ

フィー、ハイドロキシアパタイト、水素結合クロマトグラフィー、キレートカラムにより精製することができる (Deutscher, M.P. ed.: *Methods Enzymol.* 182, *Guide to Protein Purification*, 1990, *Principles and Methods* シリーズ: *Gel Filtration*, *Ion Exchange Chromatography*, *Affinity Chromatography*, Pharmacia 社製)。また、後述するように本発明のタンパク質に対する抗体を調製すれば、その抗体を用いたアフィニティークロマトグラフィーによりタンパク質を高い精製度で精製することが可能である。

【0017】

また、当業者であれば、調製した本発明のタンパク質を用いてこれに結合する抗体を調製することも容易に行いうる。本発明の抗体は、本発明の遺伝子を適当な大腸菌発現ベクターにて発現し、精製し、これをウサギやマウス、ラット、ヤギ、ニワトリなどに免疫することにより得ることができる。また、本発明の遺伝子がコードするタンパク質の適当な領域をペプチド合成し、これを上記の動物に免疫することによってもこの遺伝子産物に対する抗体を得ることができる。また、モノクローナル抗体の作成方法としては、マウスやラットのハイブリドーマを確立する方法が挙げられる (Kohler and Milstein, *Nature* 256, p495-497 (1975))。具体的には、調製した本発明のタンパク質をマウス、ラット、アルメニアンハムスターに免疫した後、抗体産生細胞を脾臓またはリンパ節より取り出し、*in vitro* でミエローマ細胞と融合させて、抗原を用いたスクリーニングを行いクローンを選択する (Harlow, E., and Lane, D.: *Antibodies: A laboratory manual*. Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, New York (1988))。マウスミエローマ細胞としては、p3-x63-Ag8-U1 (P3-U1), P3-NSI/1-Ag4-1 (NS-1), SP2/0-Ag14 (AP2/0) が、ラットミエローマ細胞としては、YB2/3HL.P2G11.16Ag20 (YB2/0) が挙げられる。細胞の融合はポリエチレングリコールや電気パルスを用いて行うことが可能である。ハイブリドーマを培養した培養上清に含まれるモノクローナル抗体や得られたハイブリドーマを大量培養して免疫抑制剤で処理したマウスの腹腔に注射し、マウスの腹水中に含まれるモノクローナル抗体は、例えば、Protein A-sepharose (Pharmacia 社製) により精製することができる。さらには、本発明のタンパク質を固定したアフィニティークラムによっても精製することができ

る (Harlow, E. and Lane, D.: Antibodies: A laboratory manual. Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, New York (1988))。

【0018】

得られた抗体を人体に投与する場合には、免疫原性を低下させるために、ヒト抗体またはヒト型化抗体を用いると有効である。抗体をヒト型化する方法としては、モノクローナル抗体生産細胞から抗体遺伝子をクローニングし、その抗原決定部分を既存のヒト抗体に移植するCDR graft法 (In immunology Methods Manual 1, p98-107, Academic Press) が挙げられる。またヒト抗体は、免疫系をヒトのものと入れ換えたマウスに免疫して、通常のモノクローナル抗体と同様に作成することができる。ヒトB細胞ハイブリドーマ法 (Kozbor et al. Immunology Today 4, p72 (1983))、エプシュタインバーウイルス (EBV) -ハイブリドーマ法 (Cole et al. in Monoclonal Antibodies and Cancer Therapy, Alan R. Liss, Inc. p77-96 (1985)) などによってもヒトモノクローナル抗体を作製できる。

【0019】

これにより得られた抗体は、本発明のタンパク質の検出や抗体治療に用いることができるだけでなく、後述する本発明のタンパク質に相互作用するタンパク質のスクリーニングに用いることが可能である。

【0020】

また、本発明は、本発明のタンパク質に結合するタンパク質のスクリーニング法に関する。本発明のタンパク質のようにPDZドメインを有するタンパク質群は、共通して、C末に存在する「Thr/Ser-Xaa-Val」(Xaaは任意のアミノ酸残基)に代表される3から4アミノ酸からなる疎水性アミノ酸の領域を持った他のタンパク質と相互作用していることが知られている。それらのタンパク質の多くは膜貫通型のタンパク質であり、細胞内でのシグナル伝達の機能をはたしていることが予想される (TIBS 21, 455-458 (1996)、J. Yanagisawa et al. (1997) J. Biol. Chem. 272, 7167-7172)。このスクリーニング方法においては、本発明のタンパク質に被検タンパク質を接触させ、本発明のタンパク質に結合するタンパク質を選択する工程を含む。被検タンパク質は、例えば、目的のタンパク質を含むことが予想される細胞や組織由来の溶解液として本発明のタンパク質に接触させる。

【0021】

具体的な方法の一例として免疫沈降法が挙げられる。免疫沈降法は、タンパク質とタンパク質との結合を検出するために用いられる最も一般的な方法である。免疫沈降は、通常、本発明のタンパク質に細胞や組織由来の溶解液、例えば、ヒトさい帯内皮細胞などの細胞をTriron X-100やデオキシコール酸ナトリウムなどで溶解した細胞溶解液などの生物学的試料を接触させ、これにより形成される本発明のタンパク質とこれに結合するタンパク質からなる複合体に、抗体を作用させて免疫複合体を形成させ、これを沈降させるという手法による（実験医学別冊 新遺伝子工学ハンドブック, 羊土社, p304-308(1996))。

【0022】

免疫複合体の沈降は、例えば、抗体がマウスIgG抗体であれば、プロテインAセファロースやプロテインGセファロースを用いて行うことができる。これらの一般的な方法については例えば、「Harlow, E. and Lane, D.: Antibodies, pp.511-552, Cold Spring Harbor Laboratory publications, New York (1988)」の方法に従えばよい。また、他の動物由来の抗体であっても一般的なこれらの方法に準じて行えばよい。

【0023】

また、免疫沈降に用いる本発明のタンパク質は、例えば、特異性の明らかとなっているモノクローナル抗体の認識部位（エピトープ）がタンパク質のN末端またはC末端に導入されていてもよい。このようにエピトープとの融合タンパク質とすれば、該エピトープに対する抗体を反応させることにより、免疫複合体を形成させることができる。

【0024】

用いるエピトープ-抗体系としては市販されているものが多くあるので、それらを利用することも可能である（実験医学 13, 85-90 (1995)）。例えば、マルチクローニングサイトを介して所望のタンパク質をコードするDNAを組み込むことにより、 β -ガラクトシダーゼ、マルトース結合タンパク質、グルタチオンS-トランスフェラーゼ、緑色蛍光タンパク質 (Green fluorescent protein) などとの比較的大きな融合タンパク質を発現できるベクターが市販されている。融合

タンパク質にすることによりもたらされる目的のタンパク質の性質の変化を最小限にするために、数個から十数個のアミノ酸からなる小さなエピトープ部分だけを導入する方法も報告されている。その例としては、ポリヒスチジン (His-tag)、インフルエンザ凝集素HA、ヒトc-myc、FLAG、水疱性口内炎ウイルス糖タンパク質 (VSV-GP)、T7遺伝子10タンパク質 (T7-tag)、ヒト単純ヘルペスウイルス糖タンパク質 (HSV-tag)、E-tag (モノクローナルファージ上のエピトープ) などのエピトープとそれを認識するモノクローナル抗体が使用できる (実験医学 13, 85-90 (1995))。これら以外にも融合タンパク質を検出できるのであれば、どのようなエピトープ-抗体系を用いてもよい。なお、融合タンパク質の場合には、抗体を用いなくとも、アフィニティークロマトグラフィーを用いて本発明のタンパク質に結合するタンパク質を単離しうる。例えば、GST融合タンパク質の場合には、グルタチオン-セファロース4Bカラムを用いればよい。

【0025】

免疫沈降されたタンパク質の解析にはSDS-PAGEが一般的に用いられ、適当な濃度のゲルを用いることで、タンパク質の分子量により、結合したタンパク質を解析することができる。また、この際、一般的には結合していたタンパク質は、クマシーブリリアントブルー (CBB) 染色や銀染色のようなタンパク質の通常の染色法で検出することは困難であるので、細胞培養時に³⁵S-メチオニンや³⁵S-システインを含んだ培養液で培養することでタンパク質をラベルすると検出感をあげることができる。分子量が明らかとなれば、直接SDS-ポリアクリルアミドゲルから該当するタンパク質を精製し、その配列を決定することもできる。上記免疫沈降法以外の方法としては、本発明のタンパク質を固定したアフィニティークラムに本発明のタンパク質と結合するタンパク質を発現していることが予想される細胞の培養上清もしくは細胞抽出物を通過させ、カラムに特異的に結合するタンパク質を精製することにより調製することも可能である。

【0026】

また、本発明のタンパク質を用いてこれに結合するタンパク質をコードする遺伝子を直接スクリーニングすることも可能である。このスクリーニング法は、本発明のタンパク質に被検遺伝子の遺伝子産物を接触させ、本発明のタンパク質に

結合する遺伝子産物に対応する遺伝子を選択する工程を含む。被検遺伝子としては、特に制限はない。例えば、本発明のタンパク質に結合するタンパク質が発現していると考えられる所望の細胞から調製したcDNAライブラリーが好適に用いられる。具体的な方法の一例として、酵母の2ハイブリッド系を利用する方法が挙げられる (Fields, S. and Song, O. *Nature* 340, 245-247 (1989))。即ち、本発明のタンパク質をSRF結合領域、GAL4結合領域またはLexA結合領域に融合させて酵母細胞の中で発現させ、本発明のタンパク質と結合するタンパク質を発現していることが予想される細胞より、VP16、GAL4転写活性化領域、またはB42大腸菌ペプチドと融合する形で発現するようなcDNAライブラリーを作製し、これを上記酵母細胞に導入し、検出された陽性クローンからライブラリー由来cDNAを単離する (酵母細胞内で本発明のタンパク質と結合するタンパク質が発現すると、両者の結合によりレポーター遺伝子が活性化され、陽性のクローンが確認できる)。

【0027】

この系に用いられるベクターおよび発現ライブラリーは購入することができるので、これを利用してよい (Clontech社、MATCHMAKER Two-Hybrid System; Stratagene社、HybriZAP II Two-Hybrid System)。具体的な方法についてはこれらのマニュアルに従えばよい。この方法により本発明のタンパク質に結合するタンパク質をコードする遺伝子を直接得ることができる。実際にこの酵母の2ハイブリッド系を用いてAPCとhDLGの結合 (A. Matsumine et al. *Science* 272, 1020-1023 (1996)); GRIPとAMPAレセプターの結合 (H. Dong et al. *Nature* 386, 279-284 (1997)); Homerとグルタミン酸レセプターの結合 (P. R. Brakeman et al. *Nature* 386, 284-288 (1997)); SRYとSIP-1の結合 (F. Poulat et al. *J. Biol. Chem.* 272, 7167-7172 (1997))などが確認され、PDZドメインを有するタンパク質の標的タンパク質が同定されている。

【0028】

また、本発明のタンパク質と結合するタンパク質を発現していることが予想される細胞 (例えば、ヒトさい帯内皮細胞など) よりファージベクター (λ gt11、ZAPなど) を用いたcDNAライブラリーを作製し、これをLB-アガロース上で発現させ、フィルターに発現させたタンパク質を固定し、本発明のタンパク質をビオチ

ンラベルするか、またはGSTタンパク質との融合タンパク質として精製し、これを上記フィルターと反応させ、結合するタンパク質を発現しているプラークを、ストレプトアビジン、あるいは抗GST抗体により検出する「ウエストウエスタンブロッティング法」(Skolnik EY, Margolis B, Mohammadi M, Lowenstein E, Fischer R, Drepps A, Ullrich A, and Schlessinger J (1991)Cloning of PI3 kinase-associated p85 utilizing a novel method for expression/cloning of target proteins for receptor tyrosine kinases. Cell 65, 83-90)を用いてスクリーニングすることも可能である。なお、これにより単離された遺伝子を大腸菌などに導入して発現させることにより、該遺伝子がコードするタンパク質を調製することも可能である。

【0029】

このような本発明のタンパク質を用いてこれに結合するタンパク質またはその遺伝子を単離し、解析することにより、このタンパク質-タンパク質相互作用を介したシグナル伝達経路の解明が可能となると考えられる。さらに、このようなシグナル伝達と疾患との関連が明らかになれば、本発明のタンパク質やこれと相互作用するタンパク質を標的とした医薬品の開発が可能となる。また、これらタンパク質をコードするDNAに対するアンチセンスDNAを用いた治療なども可能になると考えられる。なお、アンチセンスDNAは、種々の修飾アンチセンスオリゴヌクレオチドが利用されているが、例えば、ホスホロチオネート(S-オリゴ)は安定性、水溶性において好適である。アンチセンスDNAの導入法としては、直接投与法、リポフェクション、HVJ法、HVJ-リポソーム法などが挙げられる。また、ベクターやリボザイムを用いたアンチセンスRNAによる治療も可能であり、前述の動物細胞での組み換えタンパク質の作製に用いたベクターに本発明のDNAを逆向きに導入し、直接投与法、リポフェクション、HVJ法、HVJ-リポソーム法などで導入し体内で発現させるなどして遺伝子治療を行うことが可能である。また、アデノ関連ウイルス、アデノウイルス、ヒト単純ヘルペスウイルス、ワクシニアウイルス、ファウルボックスウイルスなどのウイルスベクターを用いた遺伝子導入法によりアンチセンスRNAを体内で発現する方法も可能である。

【0030】

【実施例】

以下、本発明を実施例により具体的に説明するが、本発明はこれら実施例に制限されるものではない。

【0031】

【実施例1】 遺伝子のクローニング

(1) ディファレンシャル・ディスプレイ

HUVEC (ヒトさい帯血管内皮細胞) を森永生科学研究所より正常ヒト血管内皮細胞培養キット (Catalog #680051) を用いて培養し、サブコンフルエントの状態になったところで10ng/mlのTNFアルファ (Recombinant Human Tumor Necrosis Factor- α , Catalog #300-01A, PEPROTECH Inc.) を添加し、24時間培養し、無添加の細胞と発現している遺伝子を比較した。トリプシン-EDTA で細胞を剥離し、1000rpm、5分の遠心操作により細胞を沈殿させ、一度PBSにて洗浄したのち、キアゲン社 (QIAGEN) の「RNAeasy Total RNAキット」 (フナコシ DG-0741-04) により全RNAを回収した。回収した全RNAのうち0.2 μ gを用いて、H-T11GアンカープライマーによりcDNAを合成した。条件は「RNAimageキット」 (GenHunter Corporation社) に添付のマニュアルに従い、アービタリープライマー、H-AP1からH-AP8の8種類のプライマーについて94℃30秒、40℃2分、72℃30秒のサイクルを40回おこなうPCR (polymerase chain reaction) 反応により、「TAKARA Taqポリメラーゼ」を用いてランダムに遺伝子を増幅した。反応液にはアルファ³³P dATP が含まれており、シーケンスゲル泳動にて分離した。TNFアルファの刺激によりバンドが濃くなっているもの、つまり、mRNAの発現が無刺激に比べて上昇しているものを再度同じ条件にて増幅し、増幅された断片を「Qiaquick spin PCR精製キット」を使用して、反応液中に存在するプライマーDNAを除去し、増幅に用いた同じプライマーを用いて「Dye Terminator Cycle Sequencing FS Ready Reaction kit」 (パーキンエルマー社、Catalog #402122) により解析することにより、配列番号: 3に示す「DDEST32」の塩基配列の情報が得られた。

【0032】

(2) cDNAライブラリーの構築

「ZAP-cDNA合成キット」 (STRATAGENE社製) を用いてcDNAライブラリーを構築

した。5 μ l の10x 第1鎖バッファー (first-strand buffer)、3 μ l の第1鎖メチルヌクレオチドミックス (first-strand methyl nucleotide mix)、2 μ l のリンカープライマー (linker-primer) (1.4 μ g/ μ l)、1 μ l のRNaseブロックリボヌクレアーゼ阻害剤 (Rnase Block Ribonuclease Inhibitor) (40 μ / μ l)、10 μ l のTNFアルファ刺激HUVECポリA⁺mRNA (0.5 μ g/ μ l)、24 μ l のDEPC(ジエチルピロカルボネート) 処理済みの水を穏やかに混合し、室温で10分放置した。5 μ l の「SuperScript II逆転写酵素」(200 μ / μ l) (GIBCO-BRL)を混合し、37℃にて40分間保温し、さらに45℃にて70分保温した。反応液を氷上に置き、45 μ l の第1鎖反応液に20 μ l の10x 第2鎖バッファー (second-strand buffer)、6 μ l の第2鎖ヌクレオチド混合物 (second-strand nucleotide mixture)、115.9 μ l の滅菌蒸留水、Rnase H (1.5 μ / μ l)、11.1 μ l のDNAポリメラーゼI(9 μ / μ l) をボルテックスして混合し、16℃で150分間保温した。反応後、23 μ l のブランディングdNTPミックス (blunting dNTP mix)、2 μ l のクローン化Pfu DNAポリメラーゼ (cloned Pfu DNA polymerase) (2.5 μ / μ l) を加えて、72℃にて30分間保温した。200 μ l のフェノール/クロロホルム、クロロホルムで順次抽出し、さらに20 μ l の3M 酢酸ナトリウム、400 μ l の100%エタノールにて沈殿させた。-20℃で一晩置いた後、15,000回転60分間4℃での遠心操作により得られた沈殿は、500 μ l の70%エタノールで洗浄し乾燥させた。0.4 μ g/ μ l の濃度の EcoR Iアダプター9 μ l で沈殿を溶かし、4℃で45分置いた。1 μ l の10x リガーゼバッファー (Ligase buffer)、1 μ l の10mM ATP、1 μ l のT4 DNAリガーゼ(4 μ / μ l) を添加し、8℃にて一晩連結反応を行った。70℃にて30分保温し、酵素を失活させ、遠心操作で反応液をチューブの底に集めた後、5分間室温に放置した。1 μ l の10x リガーゼバッファー (Ligase buffer)、2 μ l のATP、6 μ l の滅菌水、1 μ l のT4ポリヌクレオチドキナーゼ(10 μ / μ l) を加え、37℃で30分保温した後70℃で30分保温して酵素を失活させた。28 μ l のXho Iバッファー補助 (buffer supplement)、3 μ l のXho I (40 μ / μ l)を加え、37℃90分間反応させた。室温に戻した後、5 μ l の10x STEバッファーを添加し、「Sephacryl S-500」カラムにかけて、60 μ l の1xSTE buffer で2回溶出し、120 μ l のエタノールを加えて、-20℃で一晩置いた。15,000回転で4℃にて60分遠心し、沈殿を得た。200 μ l の80%エタノールで洗い、さらに沈

殿を乾燥させた。6 μ lの滅菌水で溶解してそのうちの 2.5 μ lを用いてベクターへの連結反応を行った。2.5 μ lのcDNAに対して、1 μ lのUni-ZAP XRベクター(1 μ g)、0.5 μ lの10x リガーゼバッファー (Ligase buffer)、0.5 μ lの10mM ATP、0.5 μ lのT4 DNAリガーゼ(4 μ / μ l) を加えて12℃にて一晩反応させた。「Gigapack III Gold Packaging Extract」に1 μ lのライゲーション混合液 (ligation mixture) を添加し、良く混合し、室温にて2時間保温した。500 μ lのSMバッファー (5.8g NaCl、2.0g $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 、50ml 1M Tris-HCl (pH7.5)、5ml 2% (w/v)ゼラチンを脱イオン水で1Lとしたもの) を加え、さらに20 μ lのクロロホルムを加えた後、穏やかに混合した。遠心し、その上清を別のチューブに移して4℃に保存した。0.1 μ l、1 μ lのパッケージ化反応液 (packaged reaction) を用いてファージのタイターを測定した。0.1 μ lから約300のプラークが得られたことから1 μ lあたり3000PFU (plaque forming unit) と考えられた。宿主大腸菌には XL1 Blue MRF' を用いた。20ml LB/10mM MgSO_4 /0.2%マルトースで37℃ 6時間培養し、 OD_{600} が1.0になる前に氷上に5分置き、500xgで10分遠心した。沈殿した菌に対して10mlの10mM MgSO_4 を加えて懸濁し、 OD_{600} が0.5となるように10mM MgSO_4 で希釈した。17 μ lのパッケージ化反応液 (packaged reaction) を600 μ lの新鮮に調製されたXL-1 Blue MRF'に加え、37℃で15分保温した。45℃にあらかじめ保温しておいた6.5ml NZYトップアガー (NZY Top Agar) (0.7% (w/v)アガロースをNZY培地に加えてオートクレーブしたもの)を加えてNZY寒天プレート (5gのNaCl、2.0gの $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 、5gの酵母抽出物、10gのNZアミン、15gの寒天を脱イオン水で1Lとしたもの、pHはNaOH で7.5に調整し、オートクレーブ後、滅菌済みのシャーレにまいたもの)にまいた。37℃で6時間培養し、「Hybond N+ filter」(アマシャム社製、RPN203B) をプレート上においてプラークを移し、1.5M NaCl/0.5M NaOH で7分間変性させた後、1.5M NaCl/0.5M Tris-HCl (pH7.2)/1mM EDTA で5分間処理することにより中和し、最後に2X SSCでリンスした。乾燥させたのち、「Strata Linker」(Stratagen社製)を用いて120mJのUVでフィルターにプラークを固定した。

(3) cDNAライブラリーのスクリーニング

「DDEST32」のDNA断片は2%アガロースゲルにより分離し、キアゲン社の「QI

AEX II Gel Extractionキット」(フナコシ DG-0200-21)によりアガロース切片から回収した。これをプローブとして、ランダムラベルによりラベルした。アマシヤム社の「Megaprimeキット」(RPN1607)を用い、25ngのプローブDNAに対して5 μ lのプライマー溶液(Primer Solution)を加えて、95℃にて5分保温した。室温にて放置し、さらに10 μ lのラベリングバッファー(Labeling buffer)、18 μ lの水、アルファ³²P dCTP、2 μ lのクレノウ・フラグメントを混合し、37℃で30分間保温した。2 μ lの0.5M EDTAを添加して反応を停止させ、「Pharmacia ProbeQuant G-50カラム」にて遊離のアルファ³²P dCTPを除去した。60℃にて「Rapid hybri buffer」(アマシヤム社製、RPN1636)でプレハイブリダイゼーションした後、ラベルされたプローブを95℃で熱変性させ、氷上で急冷し、ハイブリバッファーに添加し、60℃で2時間震とうしながらハイブリダイゼーションさせた。プローブは 2×10^6 cpm/mlの濃度で用いた。2XSSC/0.05% SDSで10分3回室温でフィルターを洗浄し、さらに0.1XSSC/0.1% SDSで60℃で20分の洗浄を2回行った。ポジティブだったブランクから拾ったファージはSMバッファーで希釈し、10cmシャーレに約100ブランクが形成されるように希釈してまいた。こうして2次スクリーニングを行い、さらに3次スクリーニングまで行った。その結果、陽性クローンとしてクローン「#32-8-1」を得た。Uni-ZAPベクターにクローニングされている遺伝子は、インビボ切除法により通常のプラスミドDNAとして回収した。

【0033】

【実施例2】「32-8-1遺伝子」の配列の決定

(1) RACEのためのcDNAライブラリーの作製

クロンテック社(CLONTECH社製)の「Marathon cDNA amplification kit」(TOYOBO CLK1802-1)を用いてRACEのためのcDNAを合成した。TNFファルファ刺激したHUVEC細胞から得られた全RNA 1 μ gを用いて実験を行った。10 μ MのオリゴdTプライマーを1 μ l加え、全量5 μ lとし、70℃にて2分保温し、2分間氷上に置いた。これに2 μ lの5X 第1鎖バッファー(First-strand buffer)、1 μ lの10mM dNTPミックス、1 μ lの100unit/ μ lのMMLV逆転写酵素を加え10 μ lとして、42℃で1時間保温し、第1鎖cDNAを合成した。これにさらに5x第2鎖バッファー(Second-strand buffer) 16 μ l、10mM dNTPミックス1.6 μ l、20x第2鎖酵素液(Second-strand

enzyme cocktail) 4 μ lを加え、水を加えて、全量80 μ lとして16℃で90分間保温した。5units/ μ lのT4 DNAポリメラーゼ2 μ lを添加した後、16℃45分の反応を行った。4 μ lの20X EDTA/グリコーゲンを添加した後、等量のフェノール/クロロフォルム、イソアミルアルコール/クロロフォルムで除タンパク質を行った。

【0034】

35 μ lの4M酢酸アンモニウム、263 μ lの95%エタノールでエタノール沈殿をし、80%エタノールで洗浄し、10分間自然乾燥させた。脱イオン水10 μ lに溶解し、7.5 μ lを使ってアダプターの連結反応を行った。3 μ lの10 μ M「Marathon cDNA adaptor」、3 μ lの5X DNAライゲーション・バッファー (ligation buffer)、1.5 μ lの(1units/ μ l) T4 DNAリガーゼを加えて、16℃にて1晩反応させた。70℃5分の保温により、酵素を失活せしめ、キットに添付のトリシン (Tricine) -EDTA バッファー135 μ lを加えて全量150 μ lとした。

【0035】

(2) RACEによるcDNAクローンのクローニングと塩基配列の決定

「32-8-1遺伝子」は遺伝子内にある制限酵素認識部位、Pst I、Xba I、BamH I、EcoRIを使ってサブクローニングを行い、「Dye Terminator Cycle Sequencing FS Ready Reaction kit」(パーキンエルマー社製、Catalog #402122)を用いたサイクルシーケンス法にて塩基配列を決定した。

【0036】

以下に、用いたプライマーの配列を示す。「C」は相補鎖DNAに対するプライマーであることを示す。

【0037】

【表1】

プライマー番号		DNA配列	
106	C	CTC CCC ATC CCT CGT CCA CC	(配列番号: 10)
XE	C	CTC TGA CTC TGA CTG ACT GG	(配列番号: 11)
EX		ATG AGT TTG GTT ACA GCT GG	(配列番号: 12)

402		TCA GAG AGC GTT ATG GAA CC	(配列番号: 13)
XER		AGT CTT GCT GGG AAC AAA GA	(配列番号: 14)
801		ACT GTT ACT ACT TCT GAT GC	(配列番号: 15)
1192-1161		TCT GAT GGT CCC ACA GTC TG	(配列番号: 16)
1282	C	GTT GTT TCG CAG CCA GGG AT	(配列番号: 17)
1524		CTG AGC ATC GTT GGG GGT TC	(配列番号: 18)
1449	C	CCT CAT CTC TGT AGA GTG TC	(配列番号: 19)
1683		TGT TAG CCC CCT CAC TAA GG	(配列番号: 20)
1803		GCT ATG TGC TAG GAA ATA CG	(配列番号: 21)
2116		TAG GGA GAA GGA TCA GAG CG	(配列番号: 22)
607-93		ACA GAT TTC TGA CTC ACT GG	(配列番号: 23)
128		TGG AAA TAG GCA TTC TTC AG	(配列番号: 24)
607-462		ATA CAA AGA CGG TCT AAT CC	(配列番号: 25)
2920	C	CCG CTT TCC CAT CTT TAG AAA C	(配列番号: 26)
3121		TAT CTC GTG TGG AAG ATG TG	(配列番号: 27)
2266-107	C	ACA TAA ATG TTG CTA TCA CC	(配列番号: 28)
3361		TGC CAC TTA GTA GCC GAG TG	(配列番号: 29)
3615		GCA TTG CAT TAC AGT TGA GC	(配列番号: 30)
1301	C	TCC TCC TTT GAC AAT GTC TG	(配列番号: 31)
BXR	C	CAT TTC GAC TGT TCT TAA TC	(配列番号: 32)
XB	C	TCA GTG GAT GTG CCA CAG AT	(配列番号: 33)
4221	C	CAG TAG GTT AAC TGC TTC GG	(配列番号: 34)
BX		AGT TCC AGT CTT TCT TTC GG	(配列番号: 35)
4335		TTT CTT TCA CTG GGC TGA AGT C	(配列番号: 36)
XBR		CCT CTG AAG ACG GAC GTC TG	(配列番号: 37)

さらに、解析の終了した領域から20残基からなるオリゴヌクレオチドをプライマー（表1）として合成し、配列の解析結果を確認した。5146bpの塩基配列が決定された。EcoR Iの認識部位の最初のGの塩基を番号1とした際の468番目の塩基

からPDZドメインは始まり、約80アミノ酸の繰り返し構造が3つ存在したが、その直後に終止コドンが存在していた。遺伝子の3'領域の配列にも先の終止コドンから約2kb離れたところに3個のPDZドメインを見い出した。そこで後半に存在する3個のPDZドメインの位置から5' RACE (Rapid amplification of cDNA End) を行った。前述の5 μ lのcDNAを使ってキットのマニュアルに従い、5' RACEを行った。反応液は、5 μ lのcDNA、5 μ lの10x 「AdvantageTM KlenTaq buffer」 (キット添付のものを使用)、4 μ lの2.5mM dNTP、1 μ lの10 μ M AP1プライマー (CCATCCTAATACGACTCACTATAGGGC(配列番号: 38))、1 μ lの10 μ M 32-8-1 5' RACEプライマー#22 (TTGGGGTGGGGAGAGGAGGTAGATTGC(配列番号: 39))、1 μ lの「AdvantageTM KlenTaq polymerase mix」 (TOYOBO CLK8417-1)、33 μ lの脱イオン水を混合し、50 μ lとした。「PerkinElmer Thermal Cycler 2400」を使ってPCR反応を行った。94℃ 1分、94℃ 5秒-72℃ 2分を5回、94℃ 5秒-70℃ 2分を5回、94℃ 5秒-68℃ 2分を25回の反応でははっきりしたバンドを検出することはできなかった。同じ条件でnested PCRを行い、約1.8kbのバンドを得た。但し、プライマーはAP2プライマー (ACTC ACTATAGGGCTCGAGCGGC(配列番号: 40))、32-8-1 5' RACEプライマー#1034 (GCACATCACCAGTGGGCTGCCTACTC(配列番号: 41)) を用い、最初のPCR産物を50倍に希釈したものを5 μ l用いた。また、94℃ 5秒-68℃ 2分を25回ではなく15回でおこなった。その結果、2kbのギャップのないcDNAクローンを得ることが出来た。

【0038】

以下に、用いたプライマーの配列を示す。「C」は相補鎖DNAに対するプライマーであることを示す。

【0039】

【表2】

プライマー番号		DNA配列
EX		ATG AGT TTG GTT ACA GCT GG (配列番号: 42)
456	C	AAT CTA ATG CAG CTC GCC TG (配列番号: 43)
XER		AGT CTT GCT GGG AAC AAA GA (配列番号: 44)

678	C	TCA CTT TAG AAG GGG CAC AT (配列番号: 45)
801		ACT GTT ACT ACT TCT GAT GC (配列番号: 46)
1192-1161		TCT GAT GGT CCC ACA GTC TG (配列番号: 47)
1282	C	GTT GTT TCG CAG CCA GGG AT (配列番号: 48)
1524		CTG AGC ATC GTT GGG GGT TC (配列番号: 49)
1449	C	CCT CAT CTC TGT AGA GTG TC (配列番号: 50)
2116		TAG GGA GAA GGA TCA GAG CG (配列番号: 51)
1301	C	TCC TCC TTT GAC AAT GTC TG (配列番号: 52)
839		TTT CAT CAT CTA CAG CCA GT (配列番号: 53)
1389		TGA CAC CCT CAC TAT TGA GC (配列番号: 54)

【実施例3】 マウス90RF結合タンパク質 (mouse 90RF binding protein) との
ホモロジー検索

BLASTN検索およびBLASTP検索の結果、2703bpからなる「Mus musculus 90RF binding protein 1 (9BP-1) mRNA, partial cds.」 (LOCUS: MMAF000168, ACCESSION: AF000168) が相同性のある遺伝子として検出された。なお、この遺伝子の登録記載日は18-MAY-1997であった。タンパク質間のホモロジー検索の結果をならべたものを図1に示す。

【0040】

【実施例4】 ノーザンブロッティングによる発現の組織特異性の解析

「Clontech Human Tissue Northern (MTN) Blot」 (Catalog #7760-1)、 「Human Tissue Northern (MTN) Blot IV」 (Catalog #7766-1) を用いて遺伝子発現の組織特異性を解析した。ノーザンブロットは常法にて従い、BamH I-Xba I 断片をプローブとして使い、アマシャム社の「Megaprime DNA labelling kit」 (catalog RPN1607) を用いて25ngのDNA 断片をアルファ³²P dCTPでラベルした。MTN BlotとMTN Blot IVは「ExpressHyb Hybridization Solution」 (Clontech Catalog 8015-2) 5mlにて 68℃30分間プレハイブリダイゼーションを行い、 1×10^7 cpmのラベルされたプローブを同じく「ExpressHyb Hybridization Solution」 5ml (2×10^6 cpm / ml)にて 68℃2時間ハイブリダイズさせた。2x SSC (0.3M NaCl, 0.

0.3Mクエン酸ナトリウム(pH7.0))/0.05%SDS を用いて室温で10分3回フィルターを洗い、さらに 0.1X SSC/0.1%SDSにて50℃で15分2回洗浄した後、「FUJI Imaging plate」にて1晩感光させ、「FUJI BAS2000」にて解析した。図2にあるように組織としては、心臓、胎盤、肝臓、骨格筋、すい臓においてmRNAの発現が高かった。約8kbの転写物を同定したが、肝臓においては5.5kbの短い転写物の発現が確認された。また、どの組織にも発現は見られたが腎臓および肺においては遺伝子の発現は低かった。

【0041】

【発明の効果】

本発明により、PDZドメインを有する新規なタンパク質、該タンパク質をコードする遺伝子が提供された。本発明のタンパク質および遺伝子を利用することにより、本発明のタンパク質に結合する抗体や、PDZドメインに結合するタンパク質およびその遺伝子を単離することができ、PDZドメインを介した細胞内でのシグナル伝達経路の解明が可能となった。さらに、細胞増殖、細胞周期、癌化、アポトーシス、細胞接着等とこのシグナル伝達との関係が解明されれば、本発明のタンパク質やこれと相互作用するタンパク質を標的とした疾患の治療へとつながると考えられるため、これらタンパク質やその遺伝子は治療薬の開発や診断に有用である。

【0042】

【配列表】

配列番号：1

配列の型：アミノ酸

配列の長さ：763

トポロジー：直鎖状

配列の種類：タンパク質

配列の特徴

配列

Met	Gly	Ser	Asn	His	Thr	Gln	Ser	Ser	Ala	Ser	Lys	Ile	Ser	Gln	Asp
1				5					10					15	
Val	Asp	Lys	Glu	Asp	Glu	Phe	Gly	Tyr	Ser	Trp	Lys	Asn	Ile	Arg	Glu
			20					25					30		
Arg	Tyr	Gly	Thr	Leu	Thr	Gly	Glu	Leu	His	Met	Ile	Glu	Leu	Glu	Lys
			35					40					45		
Gly	His	Ser	Gly	Leu	Gly	Leu	Ser	Leu	Ala	Gly	Asn	Lys	Asp	Arg	Ser
			50					55					60		
Arg	Met	Ser	Val	Phe	Ile	Val	Gly	Ile	Asp	Pro	Asn	Gly	Ala	Ala	Gly
			65					70					75		80
Lys	Asp	Gly	Arg	Leu	Gln	Ile	Ala	Asp	Glu	Leu	Leu	Glu	Ile	Asn	Gly
				85					90					95	
Gln	Ile	Leu	Tyr	Gly	Arg	Ser	His	Gln	Asn	Ala	Ser	Ser	Ile	Ile	Lys
				100					105					110	
Cys	Ala	Pro	Ser	Lys	Val	Lys	Ile	Ile	Phe	Ile	Arg	Asn	Lys	Asp	Ala
				115					120					125	
Val	Asn	Gln	Met	Ala	Val	Cys	Pro	Gly	Asn	Ala	Val	Glu	Pro	Leu	Pro
				130					135					140	
Ser	Asn	Ser	Glu	Asn	Leu	Gln	Asn	Lys	Glu	Pro	Glu	Pro	Thr	Val	Thr
				145					150					155	160

Thr Ser Asp Ala Ala Val Asp Leu Ser Ser Phe Lys Asn Val Gln His
 165 170 175
 Leu Glu Leu Pro Lys Asp Gln Gly Gly Leu Gly Ile Ala Ile Ser Glu
 180 185 190
 Glu Asp Thr Leu Ser Gly Val Ile Ile Lys Ser Leu Thr Glu His Gly
 195 200 205
 Val Ala Ala Thr Asp Gly Arg Leu Lys Val Gly Asp Gln Ile Leu Ala
 210 215 220
 Val Asp Asp Glu Ile Val Val Gly Tyr Pro Ile Glu Lys Phe Ile Ser
 225 230 235 240
 Leu Leu Lys Thr Ala Lys Met Thr Val Lys Leu Thr Ile His Ala Glu
 245 250 255
 Asn Pro Asp Ser Gln Ala Val Pro Ser Ala Ala Gly Ala Ala Ser Gly
 260 265 270
 Glu Lys Lys Asn Ser Ser Gln Ser Leu Met Val Pro Gln Ser Gly Ser
 275 280 285
 Pro Glu Pro Glu Ser Ile Arg Asn Thr Ser Arg Ser Ser Thr Pro Ala
 290 295 300
 Ile Phe Ala Ser Asp Pro Ala Thr Cys Pro Ile Ile Pro Gly Cys Glu
 305 310 315 320
 Thr Thr Ile Glu Ile Ser Lys Gly Arg Thr Gly Leu Gly Leu Ser Ile
 325 330 335
 Val Gly Gly Ser Asp Thr Leu Leu Gly Ala Phe Ile Ile His Glu Val
 340 345 350
 Tyr Glu Glu Gly Ala Ala Cys Lys Asp Gly Arg Leu Trp Ala Gly Asp
 355 360 365
 Gln Ile Leu Glu Val Asn Gly Ile Asp Leu Arg Lys Ala Thr His Asp
 370 375 380
 Glu Ala Ile Asn Val Leu Arg Gln Thr Pro Gln Arg Val Arg Leu Thr

385	390	395	400
Leu Tyr Arg Asp Glu	Ala Pro Tyr Lys	Glu Glu Glu Val	Cys Asp Thr
405	410	415	
Leu Thr Ile Glu Leu	Gln Lys Lys Pro	Gly Lys Gly Leu	Gly Leu Ser
420	425	430	
Ile Val Gly Lys Arg	Asn Asp Thr Gly	Val Phe Val Ser	Asp Ile Val
435	440	445	
Lys Gly Gly Ile Ala	Asp Pro Asp Gly	Arg Leu Ile Gln	Gly Asp Gln
450	455	460	
Ile Leu Leu Val Asn	Gly Glu Asp Val	Arg Asn Ala Ser	Gln Glu Ala
465	470	475	480
Val Ala Ala Leu Leu	Lys Cys Ser Leu	Gly Thr Val Thr	Leu Glu Val
485	490	495	
Gly Arg Ile Lys Ala	Gly Pro Phe His	Ser Glu Arg Arg	Pro Ser Gln
500	505	510	
Thr Ser Gln Val Ser	Glu Gly Ser Leu	Ser Ser Phe Thr	Phe Pro Leu
515	520	525	
Ser Gly Ser Ser Thr	Ser Glu Ser Leu	Glu Ser Ser Ser	Lys Lys Asn
530	535	540	
Ala Leu Ala Ser Glu	Ile Gln Gly Leu	Arg Thr Val Glu	Met Lys Lys
545	550	555	560
Gly Pro Thr Asp Ser	Leu Gly Ile Ser	Ile Ala Gly Gly	Val Gly Ser
565	570	575	
Pro Leu Gly Asp Val	Pro Ile Phe Ile	Ala Met Met His	Pro Thr Gly
580	585	590	
Val Ala Ala Gln Thr	Gln Lys Leu Arg	Val Gly Asp Arg	Ile Val Thr
595	600	605	
Ile Cys Gly Thr Ser	Thr Glu Gly Met	Thr His Thr Gln	Ala Val Asn
610	615	620	

Leu Leu Lys Asn Ala Ser Gly Ser Ile Glu Met Gln Val Val Ala Gly
 625 630 635 640
 Gly Asp Val Ser Val Val Thr Gly His His Gln Glu Pro Ala Ser Ser
 645 650 655
 Ser Leu Ser Phe Thr Gly Leu Thr Ser Thr Ser Ile Phe Gln Asp Asp
 660 665 670
 Leu Gly Pro Pro Gln Cys Lys Ser Ile Thr Leu Glu Arg Gly Pro Asp
 675 680 685
 Gly Leu Gly Phe Ser Ile Val Gly Gly Tyr Gly Ser Pro His Gly Asp
 690 695 700
 Leu Pro Ile Tyr Val Lys Thr Val Phe Ala Lys Gly Ala Ala Ser Glu
 705 710 715 720
 Asp Gly Arg Leu Lys Arg Gly Asp Gln Ile Ile Ala Val Asn Gly Gln
 725 730 735
 Ser Leu Glu Gly Val Thr His Glu Glu Ala Val Ala Ile Leu Lys Arg
 740 745 750
 Thr Lys Gly Thr Val Thr Leu Met Val Leu Ser
 755 760

配列番号：2

配列の型：核酸

配列の長さ：2819

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

配列の特徴

特徴を表す記号：CDS

存在位置：43..2331

特徴を決定した方法：E

配列

ACCACCGCCT CCGCGGCACC CCCTCCTTCA GCCTTTGCCG AA ATG GGT AGT AAT	54
Met Gly Ser Asn	
1	
CAC ACA CAG TCA TCT GCA AGC AAA ATC TCA CAA GAT GTG GAC AAA GAG	102
His Thr Gln Ser Ser Ala Ser Lys Ile Ser Gln Asp Val Asp Lys Glu	
5 10 15 20	
GAT GAG TTT GGT TAC AGC TGG AAA AAT ATC AGA GAG CGT TAT GGA ACC	150
Asp Glu Phe Gly Tyr Ser Trp Lys Asn Ile Arg Glu Arg Tyr Gly Thr	
25 30 35	
CTA ACA GGC GAG CTG CAT ATG ATT GAA CTG GAG AAA GGT CAT AGT GGT	198
Leu Thr Gly Glu Leu His Met Ile Glu Leu Glu Lys Gly His Ser Gly	
40 45 50	
TTG GGC CTA AGT CTT GCT GGG AAC AAA GAC CGA TCC AGG ATG AGT GTC	246
Leu Gly Leu Ser Leu Ala Gly Asn Lys Asp Arg Ser Arg Met Ser Val	
55 60 65	
TTC ATA GTG GGG ATT GAT CCA AAT GGA GCT GCA GGA AAA GAT GGT CGA	294
Phe Ile Val Gly Ile Asp Pro Asn Gly Ala Ala Gly Lys Asp Gly Arg	
70 75 80	
TTG CAA ATT GCA GAT GAG CTT CTA GAG ATC AAT GGT CAG ATT TTA TAT	342
Leu Gln Ile Ala Asp Glu Leu Leu Glu Ile Asn Gly Gln Ile Leu Tyr	
85 90 95 100	
GGA AGA AGT CAT CAG AAT GCC TCA TCA ATC ATT AAA TGT GCC CCT TCT	390
Gly Arg Ser His Gln Asn Ala Ser Ser Ile Ile Lys Cys Ala Pro Ser	
105 110 115	
AAA GTG AAA ATA ATT TTT ATC AGA AAT AAA GAT GCA GTG AAT CAG ATG	438
Lys Val Lys Ile Ile Phe Ile Arg Asn Lys Asp Ala Val Asn Gln Met	
120 125 130	
GCC GTA TGT CCT GGA AAT GCA GTA GAA CCT TTG CCT TCT AAC TCA GAA	486

Ala Val Cys Pro Gly Asn Ala Val Glu Pro Leu Pro Ser Asn Ser Glu	
135 140 145	
AAT CTT CAA AAT AAG GAG CCA GAG CCA ACT GTT ACT ACT TCT GAT GCA	534
Asn Leu Gln Asn Lys Glu Pro Glu Pro Thr Val Thr Thr Ser Asp Ala	
150 155 160	
GCT GTG GAC CTC AGT TCA TTT AAA AAT GTG CAA CAT CTG GAG CTT CCC	582
Ala Val Asp Leu Ser Ser Phe Lys Asn Val Gln His Leu Glu Leu Pro	
165 170 175 180	
AAG GAT CAG GGG GGT TTG GGT ATT GCT ATC AGC GAA GAA GAT ACA CTC	630
Lys Asp Gln Gly Gly Leu Gly Ile Ala Ile Ser Glu Glu Asp Thr Leu	
185 190 195	
AGT GGA GTC ATC ATA AAG AGC TTA ACA GAG CAT GGG GTA GCA GCC ACG	678
Ser Gly Val Ile Ile Lys Ser Leu Thr Glu His Gly Val Ala Ala Thr	
200 205 210	
GAT GGA CGA CTC AAA GTC GGA GAT CAG ATA CTG GCT GTA GAT GAT GAA	726
Asp Gly Arg Leu Lys Val Gly Asp Gln Ile Leu Ala Val Asp Asp Glu	
215 220 225	
ATT GTT GTT GGT TAC CCT ATT GAA AAG TTT ATT AGC CTT CTG AAG ACA	774
Ile Val Val Gly Tyr Pro Ile Glu Lys Phe Ile Ser Leu Leu Lys Thr	
230 235 240	
GCA AAG ATG ACA GTA AAA CTT ACC ATC CAT GCT GAG AAT CCA GAT TCC	822
Ala Lys Met Thr Val Lys Leu Thr Ile His Ala Glu Asn Pro Asp Ser	
245 250 255 260	
CAG GCT GTT CCT TCA GCA GCT GGT GCA GCC AGT GGA GAA AAA AAG AAC	870
Gln Ala Val Pro Ser Ala Ala Gly Ala Ala Ser Gly Glu Lys Lys Asn	
265 270 275	
AGC TCC CAG TCT CTG ATG GTC CCA CAG TCT GGC TCC CCA GAA CCG GAG	918
Ser Ser Gln Ser Leu Met Val Pro Gln Ser Gly Ser Pro Glu Pro Glu	
280 285 290	

TCC ATC CGA AAT ACA AGC AGA TCA TCA ACA CCA GCA ATT TTT GCT TCT	966
Ser Ile Arg Asn Thr Ser Arg Ser Ser Thr Pro Ala Ile Phe Ala Ser	
295 300 305	
GAT CCT GCA ACC TGC CCC ATT ATC CCT GGC TGC GAA ACA ACC ATC GAG	1014
Asp Pro Ala Thr Cys Pro Ile Ile Pro Gly Cys Glu Thr Thr Ile Glu	
310 315 320	
ATT TCC AAA GGG CGA ACA GGG CTG GGC CTG AGC ATC GTT GGG GGT TCA	1062
Ile Ser Lys Gly Arg Thr Gly Leu Gly Leu Ser Ile Val Gly Gly Ser	
325 330 335 340	
GAC ACG CTG CTG GGT GCC TTT ATT ATC CAT GAA GTT TAT GAA GAA GGA	1110
Asp Thr Leu Leu Gly Ala Phe Ile Ile His Glu Val Tyr Glu Glu Gly	
345 350 355	
GCA GCA TGT AAA GAT GGA AGA CTC TGG GCT GGA GAT CAG ATC TTA GAG	1158
Ala Ala Cys Lys Asp Gly Arg Leu Trp Ala Gly Asp Gln Ile Leu Glu	
360 365 370	
GTG AAT GGA ATT GAC TTG AGG AAG GCC ACA CAT GAT GAA GCA ATC AAT	1206
Val Asn Gly Ile Asp Leu Arg Lys Ala Thr His Asp Glu Ala Ile Asn	
375 380 385	
GTC CTG AGA CAG ACG CCA CAG AGA GTG CGC CTG ACA CTC TAC AGA GAT	1254
Val Leu Arg Gln Thr Pro Gln Arg Val Arg Leu Thr Leu Tyr Arg Asp	
390 395 400	
GAG GCC CCA TAC AAA GAG GAG GAA GTG TGT GAC ACC CTC ACT ATT GAG	1302
Glu Ala Pro Tyr Lys Glu Glu Glu Val Cys Asp Thr Leu Thr Ile Glu	
405 410 415 420	
CTG CAG AAG AAG CCG GGA AAA GGC CTA GGA TTA AGT ATT GTT GGT AAA	1350
Leu Gln Lys Lys Pro Gly Lys Gly Leu Gly Leu Ser Ile Val Gly Lys	
425 430 435	
AGA AAC GAT ACT GGA GTA TTT GTG TCA GAC ATT GTC AAA GGA GGA ATT	1398
Arg Asn Asp Thr Gly Val Phe Val Ser Asp Ile Val Lys Gly Gly Ile	

440	445	450	
GCA GAT CCC GAT GGA AGA CTG ATC CAG GGA GAC CAG ATA TTA TTG GTG			1446
Ala Asp Pro Asp Gly Arg Leu Ile Gln Gly Asp Gln Ile Leu Leu Val			
455	460	465	
AAT GGG GAA GAC GTT CGT AAT GCC TCC CAA GAA GCG GTT GCC GCT TTG			1494
Asn Gly Glu Asp Val Arg Asn Ala Ser Gln Glu Ala Val Ala Ala Leu			
470	475	480	
CTA AAG TGT TCC CTA GGC ACA GTA ACC TTG GAA GTT GGA AGA ATC AAA			1542
Leu Lys Cys Ser Leu Gly Thr Val Thr Leu Glu Val Gly Arg Ile Lys			
485	490	495	500
GCT GGT CCA TTC CAT TCA GAG AGG AGG CCA TCT CAA ACC AGC CAG GTG			1590
Ala Gly Pro Phe His Ser Glu Arg Arg Pro Ser Gln Thr Ser Gln Val			
505	510	515	
AGT GAA GGC AGC CTG TCT TCT TTC ACT TTT CCA CTC TCT GGA TCC AGT			1638
Ser Glu Gly Ser Leu Ser Ser Phe Thr Phe Pro Leu Ser Gly Ser Ser			
520	525	530	
ACA TCT GAG TCA CTG GAA AGT AGC TCA AAG AAG AAT GCA TTG GCA TCT			1686
Thr Ser Glu Ser Leu Glu Ser Ser Ser Lys Lys Asn Ala Leu Ala Ser			
535	540	545	
GAA ATA CAG GGA TTA AGA ACA GTC GAA ATG AAA AAG GGC CCT ACT GAC			1734
Glu Ile Gln Gly Leu Arg Thr Val Glu Met Lys Lys Gly Pro Thr Asp			
550	555	560	
TCA CTG GGA ATC AGC ATC GCT GGA GGA GTA GGC AGC CCA CTT GGT GAT			1782
Ser Leu Gly Ile Ser Ile Ala Gly Gly Val Gly Ser Pro Leu Gly Asp			
565	570	575	580
GTG CCT ATA TTT ATT GCA ATG ATG CAC CCA ACT GGA GTT GCA GCA CAG			1830
Val Pro Ile Phe Ile Ala Met Met His Pro Thr Gly Val Ala Ala Gln			
585	590	595	
ACC CAA AAA CTC AGA GTT GGG GAT AGG ATT GTC ACC ATC TGT GGC ACA			1878

Thr	Gln	Lys	Leu	Arg	Val	Gly	Asp	Arg	Ile	Val	Thr	Ile	Cys	Gly	Thr		
600				605				610									
TCC	ACT	GAG	GGC	ATG	ACT	CAC	ACC	CAA	GCA	GTT	AAC	CTA	CTG	AAA	AAT	1926	
Ser	Thr	Glu	Gly	Met	Thr	His	Thr	Gln	Ala	Val	Asn	Leu	Leu	Lys	Asn		
615				620				625									
GCA	TCT	GGC	TCC	ATT	GAA	ATG	CAG	GTG	GTT	GCT	GGA	GGA	GAC	GTG	AGT	1974	
Ala	Ser	Gly	Ser	Ile	Glu	Met	Gln	Val	Val	Ala	Gly	Gly	Asp	Val	Ser		
630				635				640									
GTG	GTC	ACA	GGT	CAT	CAT	CAG	GAG	CCT	GCA	AGT	TCC	AGT	CTT	TCT	TTC	2022	
Val	Val	Thr	Gly	His	His	Gln	Glu	Pro	Ala	Ser	Ser	Ser	Leu	Ser	Phe		
645				650				655				660					
ACT	GGG	CTG	ACG	TCA	ACC	AGT	ATA	TTT	CAG	GAT	GAT	TTA	GGA	CCT	CCT	2070	
Thr	Gly	Leu	Thr	Ser	Thr	Ser	Ile	Phe	Gln	Asp	Asp	Leu	Gly	Pro	Pro		
665				670				675									
CAA	TGT	AAG	TCT	ATT	ACA	CTA	GAG	CGA	GGA	CCA	GAT	GGC	TTA	GGC	TTC	2118	
Gln	Cys	Lys	Ser	Ile	Thr	Leu	Glu	Arg	Gly	Pro	Asp	Gly	Leu	Gly	Phe		
680				685				690									
AGT	ATA	GTT	GGA	GGA	TAT	GGC	AGC	CCT	CAT	GGA	GAC	TTA	CCC	ATT	TAT	2166	
Ser	Ile	Val	Gly	Gly	Tyr	Gly	Ser	Pro	His	Gly	Asp	Leu	Pro	Ile	Tyr		
695				700				705									
GTT	AAA	ACA	GTG	TTT	GCA	AAG	GGA	GCA	GCC	TCT	GAA	GAC	GGA	CGT	CTG	2214	
Val	Lys	Thr	Val	Phe	Ala	Lys	Gly	Ala	Ala	Ser	Glu	Asp	Gly	Arg	Leu		
710				715				720									
AAA	AGG	GGC	GAT	CAG	ATC	ATT	GCT	GTC	AAT	GGG	CAG	AGT	CTA	GAA	GGA	2262	
Lys	Arg	Gly	Asp	Gln	Ile	Ile	Ala	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Leu	Glu	Gly		
725				730				735				740					
GTC	ACC	CAT	GAA	GAA	GCT	GTT	GCC	ATC	CTT	AAA	CGG	ACA	AAA	GGC	ACT	2310	
Val	Thr	His	Glu	Glu	Ala	Val	Ala	Ile	Leu	Lys	Arg	Thr	Lys	Gly	Thr		
745				750				755									

GTC ACT TTG ATG GTT CTC TCT TGAATTGGCT GCCAGAATTG AACCAACCCA 2361
Val Thr Leu Met Val Leu Ser

760

ACCCCTAGCT CACCTCCTAC TGTAAGAGA ATGCACTGGT CCTGACAATT TTTATGCTGT 2421
GTTTACCCCG GTCTTCAAAA CTGTAGGGGG GAAATAACAC TTAAGTTTCT TTTTCTCATC 2481
TAGAAATGCT TTCCTTACTG ACAACCTAAC ATCATTTTTT TTTTCTTCTT GCATTTTGTG 2541
AACTTAAAGA GAAGGAATAT TTGTGTAGGT GAATCTCGTT TTTATTTGTG GAGATATCTA 2601
ATGTTTTGTA GTCACATGGG CAAGAATTAT TACATGCTAA GCTGGTTAGT ATAAAGAAAAG 2661
ATAATTCTAA AGCTAACCAA AGAAAATGGC TTCAGTAAGT TAGGATGAAA AATGAAAATA 2721
TAAATAAAG AAGAAAATCT CGGGGAGTTT AAAAAAATG CCTCAATTG GCAATCTACC 2781
TCCTCTCCCC ACCCCAAACT AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 2819

配列番号：3

配列の型：核酸

配列の長さ：184

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

配列の特徴

配列

GCTATTTTGA AAATATATTT ATATCTACGA AAAGAATTGG GAAAACAAAT ATTTAATCAG 60
AGAATTATTC CTTAAAGATT TAAAATGTAT TTAGTTGTAC ATTTTATATG GGTTCACCCC 120
AGCACATGAA GTATAATGGT CAGATTTATT TNGTATTTAT TTACTATTAT AACCACTTTT 180
TAGG 184

配列番号：4

配列の型：アミノ酸

配列の長さ：80

トポロジー：直鎖状

配列の種類：ペプチド

配列

Met	Ile	Glu	Leu	Glu	Lys	Gly	His	Ser	Gly	Leu	Gly	Leu	Ser	Leu	Ala
1				5					10					15	
Gly	Asn	Lys	Asp	Arg	Ser	Arg	Met	Ser	Val	Phe	Ile	Val	Gly	Ile	Asp
			20					25					30		
Pro	Asn	Gly	Ala	Ala	Gly	Lys	Asp	Gly	Arg	Leu	Gln	Ile	Ala	Asp	Glu
			35					40					45		
Leu	Leu	Glu	Ile	Asn	Gly	Gln	Ile	Leu	Tyr	Gly	Arg	Ser	His	Gln	Asn
		50					55					60			
Ala	Ser	Ser	Ile	Ile	Lys	Cys	Ala	Pro	Ser	Lys	Val	Lys	Ile	Ile	Phe
65					70					75					80

配列番号 : 5

配列の型 : アミノ酸

配列の長さ : 78

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : ペプチド

配列

His	Leu	Glu	Leu	Pro	Lys	Asp	Gln	Gly	Gly	Leu	Gly	Ile	Ala	Ile	Ser
1				5					10					15	
Glu	Glu	Asp	Thr	Leu	Ser	Gly	Val	Ile	Ile	Lys	Ser	Leu	Thr	Glu	His
			20						25				30		
Gly	Val	Ala	Ala	Thr	Asp	Gly	Arg	Leu	Lys	Val	Gly	Asp	Gln	Ile	Leu
			35					40					45		
Ala	Val	Asp	Asp	Glu	Ile	Val	Val	Gly	Tyr	Pro	Ile	Glu	Lys	Phe	Ile
		50					55					60			
Ser	Leu	Leu	Lys	Thr	Ala	Lys	Met	Thr	Val	Lys	Leu	Thr	Ile		
65					70					75					

配列番号：6

配列の型：アミノ酸

配列の長さ：80

トポロジー：直鎖状

配列の種類：ペプチド

配列

Thr	Ile	Glu	Ile	Ser	Lys	Gly	Arg	Thr	Gly	Leu	Gly	Leu	Ser	Ile	Val
1				5					10					15	
Gly	Gly	Ser	Asp	Thr	Leu	Leu	Gly	Ala	Phe	Ile	Ile	His	Glu	Val	Tyr
				20				25					30		
Glu	Glu	Gly	Ala	Ala	Cys	Lys	Asp	Gly	Arg	Leu	Trp	Ala	Gly	Asp	Gln
				35				40					45		
Ile	Leu	Glu	Val	Asn	Gly	Ile	Asp	Leu	Arg	Lys	Ala	Thr	His	Asp	Glu
				50			55					60			
Ala	Ile	Asn	Val	Leu	Arg	Gln	Thr	Pro	Gln	Arg	Val	Arg	Leu	Thr	Leu
65					70					75					80

配列番号：7

配列の型：アミノ酸

配列の長さ：79

トポロジー：直鎖状

配列の種類：ペプチド

配列

Thr	Ile	Glu	Leu	Gln	Lys	Lys	Pro	Gly	Lys	Gly	Leu	Gly	Leu	Ser	Ile
1					5					10				15	
Val	Gly	Lys	Arg	Asn	Asp	Thr	Gly	Val	Phe	Val	Ser	Asp	Ile	Val	Lys
					20				25				30		
Gly	Gly	Ile	Ala	Asp	Pro	Asp	Gly	Arg	Leu	Ile	Gln	Gly	Asp	Gln	Ile
					35				40				45		

Leu Leu Val Asn Gly Glu Asp Val Arg Asn Ala Ser Gln Glu Ala Val

50

55

60

Ala Ala Leu Leu Lys Cys Ser Leu Gly Thr Val Thr Leu Glu Val

65

70

75

配列番号 : 8

配列の型 : アミノ酸

配列の長さ : 83

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : ペプチド

配列

Thr Val Glu Met Lys Lys Gly Pro Thr Asp Ser Leu Gly Ile Ser Ile

1

5

10

15

Ala Gly Gly Val Gly Ser Pro Leu Gly Asp Val Pro Ile Phe Ile Ala

20

25

30

Met Met His Pro Thr Gly Val Ala Ala Gln Thr Gln Lys Leu Arg Val

35

40

45

Gly Asp Arg Ile Val Thr Ile Cys Gly Thr Ser Thr Glu Gly Met Thr

50

55

60

His Thr Gln Ala Val Asn Leu Leu Lys Asn Ala Ser Gly Ser Ile Glu

65

70

75

80

Met Gln Val

配列番号 : 9

配列の型 : アミノ酸

配列の長さ : 82

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : ペプチド

配列

Ser Ile Thr Leu Glu Arg Gly Pro Asp Gly Leu Gly Phe Ser Ile Val
 1 5 10 15
 Gly Gly Tyr Gly Ser Pro His Gly Asp Leu Pro Ile Tyr Val Lys Thr
 20 25 30
 Val Phe Ala Lys Gly Ala Ala Ser Glu Asp Gly Arg Leu Lys Arg Gly
 35 40 45
 Asp Gln Ile Ile Ala Val Asn Gly Gln Ser Leu Glu Gly Val Thr His
 50 55 60
 Glu Glu Ala Val Ala Ile Leu Lys Arg Thr Lys Gly Thr Val Thr Leu
 65 70 75 80
 Met Val

配列番号: 10

配列の型: 核酸

配列の長さ: 20

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: 他の核酸 合成DNA

配列

CTCCCCATCC CTCGTCCACC

20

配列番号: 11

配列の型: 核酸

配列の長さ: 20

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: 他の核酸 合成DNA

配列

CTCTGACTCT GACTGACTGG

20

配列番号: 12

配列の型: 核酸

配列の長さ: 20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

ATGAGTTTGG TTACAGCTGG

20

配列番号：13

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

TCAGAGAGCG TTATGGAACC

20

配列番号：14

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

AGTCTTGCTG GGAACAAAGA

20

配列番号：15

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

ACTGTTACTA CTTCTGATGC

20

配列番号：16

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

TCTGATGGTC CCACAGTCTG

20

配列番号：17

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

GTTGTTTCGC AGCCAGGGAT

20

配列番号：18

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

CTGAGCATCG TTGGGGGTTC

20

配列番号：19

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

CCTCATCTCT GTAGAGTGTC

20

配列番号：20

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

TGTTAGCCCC CTCACTAAGG

20

配列番号：21

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

GCTATGTGCT AGGAAATACG

20

配列番号：22

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

TAGGGAGAAG GATCAGAGCG

20

配列番号：23

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

ACAGATTCT GACTCACTGG

20

配列番号：24

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

TGGAAATAGG CATTCTTCAG 20

配列番号：25

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

ATACAAAGAC GGTCTAATCC 20

配列番号：26

配列の型：核酸

配列の長さ：21

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

CCGCTTTCCC ATCTTTAGAAA C 21

配列番号：27

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

TATCTCGTGT GGAAGATGTG 20

配列番号：28

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

ACATAAATGT TGCTATCACC 20

配列番号：29

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

TGCCACTTAG TAGCCGAGTG

20

配列番号：30

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

GCATTGCATT ACAGTTGAGC

20

配列番号：31

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

TCCTCCTTTG ACAATGTCTG

20

配列番号：32

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

CATTTCGACT GTTCTTAATC

20

配列番号：33

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

TCAGTGGATG TGCCACAGAT 20

配列番号：34

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

CAGTAGGTTA ACTGCTTCGG 20

配列番号：35

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

AGTTCCAGTC TTTCTTTCGG 20

配列番号：36

配列の型：核酸

配列の長さ：21

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

TTTCTTTCAC TGGGCTGAAGT C 21

配列番号：37

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

CCTCTGAAGA CGGACGTCTG 20

配列番号：38

配列の型：核酸

配列の長さ：27

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

CCATCCTAAT ACGACTCACT ATAGGGC 27

配列番号：39

配列の型：核酸

配列の長さ：27

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

TTGGGGTGGG GAGAGGAGGT AGATTGC 27

配列番号：40

配列の型：核酸

配列の長さ：23

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

ACTCACTATA GGGCTCGAGC GGC 23

配列番号：41

配列の型：核酸

配列の長さ：27

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

GCACATCACC AAGTGGGCTG CCTACTC

27

配列番号：42

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

ATGAGTTTGG TTACAGCTGG

20

配列番号：43

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

AATCTAATGC AGCTCGCCTG

20

配列番号：44

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

AGTCTTGCTG GGAACAAAGA

20

配列番号：45

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

TCACTTTAGA AGGGGCACAT 20

配列番号：46

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

ACTGTTACTA CTTCTGATGC 20

配列番号：47

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

TCTGATGGTC CCACAGTCTG 20

配列番号：48

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

GTTGTTTCGC AGCCAGGGAT 20

配列番号：49

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

CTGAGCATCG TTGGGGGTTC

20

配列番号：50

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

CCTCATCTCT GTAGAGTGTC

20

配列番号：51

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

TAGGGAGAAG GATCAGAGCG

20

配列番号：52

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

TCCTCCTTTG ACAATGTCTG

20

配列番号：53

配列の型：核酸

配列の長さ：18

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

TTTCATCATC TACAGCCAGT

20

配列番号：54

配列の型：核酸

配列の長さ：20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列

TGACACCCTC ACTATTGAGC

20

【図面の簡単な説明】

【図1】

「32-8-1」と「AF00168」の配列の比較を示す図である。

【図2】

「32-8-1遺伝子」のノーザンブロット解析の結果を示す図である。

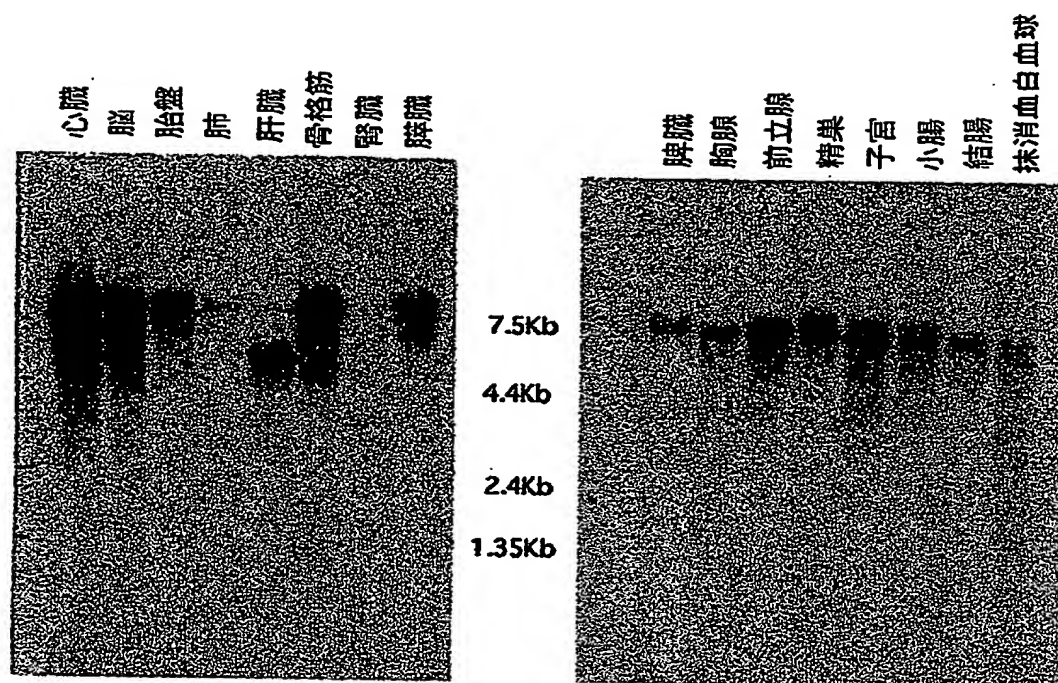
【書類名】

図面

【図 1】

	1				50
32-8-1	MGSNHTQSSA	SKISQDVDKE	DEFGYSWKNI	RERYGTLTGE	LHMIELEKGH
AF000168					
	51				100
32-8-1	SGLGLSLAGN	KDRSRMSVFI	VGIDPNGAAG	KDGRLLQIADE	LLEINGQILY
AF000168					
	101				150
32-8-1	GRSHQNASSI	IKCAPSKVKI	IFIRNKDAVN	QMAVCPGNAV	EPLPSNSEN
AF000168					
	151				200
32-8-1	QNKPEPTVT	TSDAAVDLSS	FKNVQHLELP	KDQGGGLGIAI	SEEDTLSGVI
AF000168					
	201				250
32-8-1	IKSLTEHVA	ATDGRLKVG	QILAVDDEIV	VGYPKEKFIS	LLKTAKMTVK
AF000168				NFIS	LLKTAKATVK
	251				300
32-8-1	LTIHAENPDS	QAVPSAAGAA	SGEKKNSSQS	LMVPQSGSPE	PESIRNTSRS
AF000168	LIVRAENPAC	PAVPSSAVTV	SGERKDNSQT	PAVP...APD	LEPIPSTSRS
	301				350
32-8-1	STPAIFASDP	ATCPIIPGCE	TTIEISKGR	GLGLSIVGGS	DTLLGAFIIH
AF000168	STPAVFASDP	ATCPIIPGCE	TTIGVSKGQT	GLGLSIVGGS	DTLLGAIHIIH
	351				400
32-8-1	EYVEEGAACK	DGRLWAGDQI	LEVNGIDLK	ATHDEAINVL	RQTPQVRVLT
AF000168	EYVEEGAACK	DGRLWAGDQI	LEVNGIDLK	ATHDEAINVL	RQTPQVRVLT
	401				450
32-8-1	LYRDEAPYKE	EEVCDTLTIE	..LQKKPGKG	LGLSIVGKRN	DTGVFVSDIV
AF000168	LYRDEAPYKE	EDVCDTFTIE	LQLQKRPKGK	LGLSIVGKRN	DTGVFVSDIV
	451				500
32-8-1	KGGIADPDGR	LIQGDQILLV	NGEDVRNASQ	EAVAALLKCS	LGTVLEVR
AF000168	KGGIADADGR	LMQGDQILMV	NGEDVRHATQ	EAVAALLKCS	LGAVTLEVR
	501				550
32-8-1	IKAGPFHSE	RPSQTSQVSE	GSLSSFTFPL	SGSSTSESLE	SSSKKNALAS
AF000168	VKAAPFHSE	RPSQSSQVSE	SSLSSFTPPL	SGINTSESLE	SNSKKNALAS
	551				600
32-8-1	EIQGLRTVEM	KKGPTDSLGI	SIAGGVGSPL	GDVPFIAMM	HPTGVAAQTQ
AF000168	EIQRLRTVEI	KKGPADSLGL	SIAGGVGSPL	GDVPFIAMM	HPNGVAAQTQ
	601				650
32-8-1	KLRVGDRIVT	ICGTSTEGMT	HTQAVNLLKN	ASGSIEMQV	AGGDVSVVTG
AF000168	KLRVGDRIVT	ICGTSTDGMT	HTQAVNLMKN	ASGSIEVQV	AGGDVSVVTG
	651				700
32-8-1	HHQEPASSSL	SFTGLTSTSI	FQDDLGPQPC	KSITLERGPD	GLGFSIVGGY
AF000168	HQQELANPCL	AFTGLTSSSI	FPDDLGPQPS	KTITLDRGPD	GLGFSIVGGY
	701				750
32-8-1	GSPHGDLPY	VKTVFAKGA	SEDGRLKRGD	QIIAVNGQSL	EGVTHEEAVA
AF000168	GSPHGDLPY	VKTVFAKGA	AEDGRLKRGD	QIIAVNGQSL	EGVTHEEAVA
	751	765			
32-8-1	ILKRTKGTVT	LMVLS			
AF000168	ILKRTKGTVT	LMVLS			

【図2】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 PDZドメインを有する新規なタンパク質、および該タンパク質をコードするDNAを提供することを課題とする。

【解決手段】 ヒト臍帯血管内皮細胞のTNF α による遺伝子発現の変化を解析していく過程において、TNFアルファの刺激により発現が上昇した遺伝子を単離し、該遺伝子をプローブとしてスクリーニングを行ったところ、新規なタンパク質をコードする遺伝子を単離するに至った。単離した遺伝子がコードするタンパク質につき解析を行ったところ、該タンパク質はこれまで報告のない新規なタンパク質であり、その分子内にタンパク質-タンパク質相互作用に重要な役割を果たしているPDZドメインを6つ有していることを見出した。

【選択図】 図1

【書類名】 職権訂正データ
【訂正書類】 特許願

<認定情報・付加情報>

【特許出願人】

【識別番号】 596102791

【住所又は居所】 茨城県新治郡新治村永井153番地2

【氏名又は名称】 株式会社中外分子医学研究所

【代理人】 申請人

【識別番号】 100102978

【住所又は居所】 茨城県土浦市卸町1-1-1 関鉄つくばビル6階

清水国際特許事務所

【氏名又は名称】 清水 初志

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [596102791]

1. 変更年月日 1996年 7月15日
[変更理由] 新規登録
住 所 茨城県新治郡新治村永井153番地2
氏 名 株式会社中外分子医学研究所